



[SEQ ID NO:2]

1 MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK  
51 LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME  
101 DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMPEGG SIVATTYLG  
151 EFAVQYNVNM GVAKASLEAN VKYLALDLGP DNIRVNAISA GPRTLAKG  
201 VGGFNTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS  
251 GFHAIK

FIG. 1



[SEQ ID NO:1]

1 ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA  
51 GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA  
101 AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA  
151 TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT  
201 TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAATT GGTAAAGATG  
251 TTGGCAATAT TGATGGTGTA TATCATTTCA TCGCATTTGC TAATATGGAA  
301 GACTTACGCG GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCTTGTTAGC  
351 TCAAGACATT AGTTCTTACT CATTAACAAT TGTGGCTCAT GAAGCTAAAA  
401 AATTAAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC  
451 GAATTCGCAG TTCAAAAATTA TAATGTGATG GGTGTTGCTA AAGCGAGCTT  
501 AGAAGCAAAT GTTAAATATT TAGCATTAGA CTTAGGTCCT GATAATATTC

FIG. 2



551 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAG TGC AAAAGGT  
601 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCTTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT  
651 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAAACAGCG GCTTACTTRT  
701 TAAGTGA CTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC  
751 GGATTCCACG CAATTAAATA A

FIG. 2A